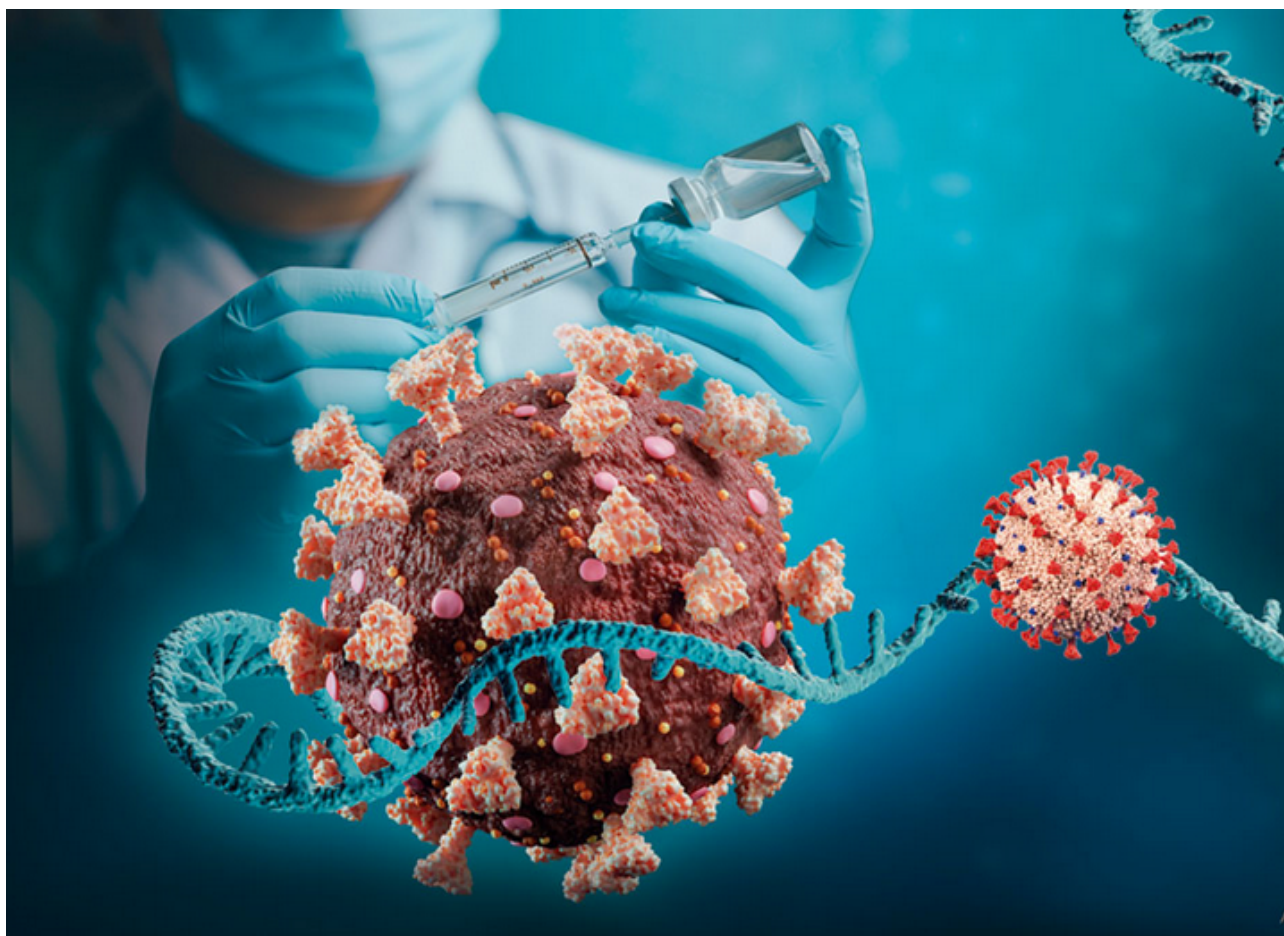


Las inexistentes variantes del SARS-CoV-2 — DSalud

Llevamos explicando desde marzo de 2020 que nadie ha demostrado científicamente la existencia del SARS-CoV-2 y durante el año y medio transcurrido desde entonces hemos aportado pruebas y argumentos rigurosos que así lo indican. Es más, hemos publicado una extensa y esclarecedora entrevista con el prestigioso biólogo alemán Stefan Lanka y un resumen detallado de sus investigaciones en las que explica que toda la Virología se basa en un error de interpretación, que no existen virus patógenos infecciosos, que es pues imposible que el famoso coronavirus exista y, por tanto, que no pueden existir “variantes” causadas por supuestas mutaciones; ni del coronavirus del que tanto se habla ni de ningún otro virus. Analicémoslo.



Oficialmente se afirma que el virus SARS-CoV-2 al que se achaca la *Covid-19* ha mutado mucho en poco tiempo aunque habría solo cuatro variantes “preocupantes” bautizadas como *Delta*, *Alfa*, *Gamma* y *Beta* (las cuatro primeras letras del alfabeto griego). La primera es hoy la más común en muchos países y se considera el doble de contagiosa que las otras además de ser capaz de causar una enfermedad más grave. Argumento gratuito que ha permitido grandilocuentes titulares y numerosos artículos sensacionalistas a los grandes diarios y revistas del mundo y muchas horas de televisión a las cadenas generalistas que, gracias a ello, pudieron volver a atizar el miedo en la sociedad -a veces más bien pánico- aunque se ha aplacado hoy bastante porque mucha gente está ya harta de noticias falsas y medidas disparatadas y contradictorias. Y eso que ahora se advierte que la variante *Delta* puede contagiar también a los vacunados (¿por qué están tan callados los que decían que las vacunas inmunizan?), la *Gamma* y *Beta* reducir la efectividad de

los tratamientos al generar el organismo menos anticuerpos y la variante *Alfa* transmitirse con mayor facilidad siendo igualmente mayor el riesgo de hospitalización y muerte.

Esta es la situación, dominada una vez más por una cobertura intencionadamente catastrófica que vuelve a alimentar y extender el miedo. Ahora bien, ¿se están utilizando las “variantes” para justificar el evidente fracaso de las mal llamadas “vacunas Covid”? Porque en Israel, uno de los países con más vacunados, los “expertos” comienzan a decir que probablemente se necesite ¡una cuarta dosis! Y eso que la decisión de poner a algunas personas en Estados Unidos una tercera dosis ya llevó a dos altos cargos de la *FDA* estadounidense a dimitir y publicar en *The Lancet* un artículo contrario a ello (puede leerlo en [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(21\)02046-8/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(21)02046-8/fulltext)) que no debe haber sentado muy bien a dos de los principales impulsores de esta farsa: **Neil Ferguson** – responsable de los encierros a escala mundial- y **Anthony Fauci**, Director de los *Institutos Nacionales de Salud (NIH)* de Estados Unidos.

En junio de este año la *BBC* británica ya emitió un reportaje en el que se preguntaba irónicamente si iban a seguir apareciendo constantemente variantes «cada vez más peligrosas» (<https://www.bbc.com/mundo/noticias-57453051>). El reportero de salud y ciencia de la famosa cadena, **James Gallagher**, decía en él con sorna: “*En su primera variante el nuevo coronavirus consiguió iniciar una pandemia devastadora pero ahora está aprendiendo el trabajo*”. Y en el mismo tono jocoso se expresaba la viróloga del *Imperial College* **Wendy Barclay** al hablar de ello: “*Se instalan y luego se lo pasan genial*”. El investigador de la *Universidad de Oxford*, **Aris Katzourakis**, califica por su parte de “tontería” intentar poner siquiera límite al número de posibles variantes: “*Puede haber fácilmente más saltos en la transmisión durante los próximos dos años*”.

Ahora bien, ¿de qué hablan exactamente científicos y periodistas cuando utilizan el término “variantes”? ¿Cómo se supone que se detectan y se establece dónde aparecen y a quiénes afectan? Más aún: ¿tiene sentido hablar de “variantes” víricas cuando la propia existencia de virus infecciosos está hoy en entredicho aunque nadie quiera hablar en público de ello?

¿A QUÉ LLAMAN “VARIANTES” LOS VIRÓLOGOS?

Comencemos explicando qué entiende por “variante” un virólogo. Los investigadores españoles **Gamero de Luna** y **Gamero Estévez** enviaron recientemente una carta al Director de la revista *Medicina de Familia* (<https://www.elsevier.es/es-revista-medicina-familia-semergen-40-avance-resumen-mutaciones-variantes-cepas-sars-cov-2-S1138359321000320>) en la que hablan precisamente de la confusión que reina actualmente entre los propios especialistas sobre términos como “variante”, “mutación” o “cepa”, algo que ya comentaron en 2012 en un artículo anterior publicado en *Nature Public Health Emergency Collection* (puede leerlo en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3535543/>). En él advierten asimismo de la “confusión total” que provoca el hecho de que se utilicen incluso diferentes criterios para denominar a una misma familia de virus, lo que se suma a la circunstancia de que las tecnologías y procedimientos de secuenciación se han abaratado y eso hace que cada vez sean más numerosas las comunicaciones a las bases de datos dificultando así el proceso de consenso. Pues bien, en lo que se refiere al tema que nos ocupa los autores dicen: “**Desafortunadamente no existe una definición universalmente aceptada para los términos “cepa”, “variante” y “aislado” en la comunidad virológica. La mayoría de los virólogos simplemente copia de otros el uso de esos términos**”.

Luego, a fin de no aumentar más la confusión, renuncian a proponer nuevos términos pero hacen algunas aclaraciones muy significativas. Dicen por ejemplo: “*Un virus, una cepa, una variante o un*

*aislado siempre se refieren a poblaciones, no a entidades físicas individuales, por lo que sus descripciones se basan en propiedades medias”. Y añaden: “Así, por ejemplo, la secuencia de un aislado es una secuencia **de consenso** de la población de genomas presentes en la muestra analizada”. Dicho de otro modo: no hay virus individuales sino unos fragmentos de información genética diferentes entre sí de forma que, **¡por consenso!**, se establece una secuencia media y se presenta como tal o cual virus.*

Más adelante los autores comentan: *“**Van Regenmortel** definió una variante de virus como un aislado o un conjunto de aislamientos cuyas secuencias genómicas (decididas por consenso) difieren de las de un virus de referencia; es decir, el término variante a menudo equivale a mutante”.*

Posteriormente, hablando de los filovirus -que según las clasificaciones oficiales pertenecen al mismo reino, grupo y dominio que los coronavirus-, los autores establecen esta definición: *“Una variante de filovirus natural es un filovirus natural que difiere en su secuencia de consenso genómico de la de un filovirus de referencia en más o menos un 10%”. Para poner en perspectiva esta definición conviene recordar que esa es precisamente la diferencia entre el genoma de un humano y el de un cerdo o un gato. Y recordemos que nuestra diferencia genómica con un gorila es inferior al 3% y con un chimpancé del 1%. Es decir, para los virólogos son solo “ligeramente diferentes” dos variantes de un mismo virus cuando en realidad difieren ¡tanto como nuestro genoma difiere del de un cerdo o un gato!*

Los medios de comunicación se limitan a explicar al público que las «variantes» se producen cuando en un organismo infectado los virus, al reproducirse, cometen “errores de copia” (lo que técnicamente se denomina “mutación”) y cambia su código genético. Y cuando se producen muchas «mutaciones» se considera que se está ante otra “cepa” del virus. El SARS-CoV-2 sería pues una «cepa» de la familia de los coronavirus. Y si los cambios son pocos entonces se habla de “variantes”. En el caso del SARS-CoV-2 se estima de hecho que hay ya **miles de «variantes»** circulando aunque solo unas pocas se consideran “de interés” -se han bautizado como *Eta, Iota, Kappa, Lambda* y *Mu*- y otras “preocupantes” (las cuatro que hemos mencionado al comienzo de este artículo (para más detalles sobre estas «variantes» y otras calificadas de “notables” puede consultar https://es.wikipedia.org/wiki/Variantes_de_SARS-CoV-2).

¿CÓMO SE DISTINGUEN LAS «VARIANTES»?

En suma, una vez más nos encontramos con una enorme confusión y declaraciones contradictorias. Por una parte, documentos oficiales de instituciones estadounidenses reconocen que la PCR que se utiliza para establecer si alguien está o no infectado por el SARS-CoV-2 no distingue entre variantes y que la única forma de hacerlo es secuenciando el genoma una vez detectado el virus en cuestión.

En la página de Preguntas Frecuentes sobre la variante *Delta* del Departamento de Estado de Servicios de Salud estadounidense (<https://www.dshs.state.tx.us/coronavirus/variant-faqs.aspx>) puede leerse por ejemplo lo siguiente:

Pregunta: “¿Cómo puedo saber si tengo la variante Delta? ¿Informan los laboratorios al estado?

Respuesta: “Es posible que esa información no este disponible fácilmente. Las pruebas virales que se utilizan para determinar si una persona tiene Covid-19 no están diseñadas para decirle qué variante está causando la infección. La detección de la variante Delta u otras variantes requiere un tipo especial de prueba llamada secuenciación genómica. Debido al volumen de casos de

Covid-19 no se realiza la secuenciación en todas las muestras virales. Sin embargo, debido a que la variante Delta representa ahora la mayoría de los casos de Covid-19 en Estados Unidos existe una gran probabilidad de que un resultado positivo de la prueba indique una infección con la variante Delta”.

Vamos a repetirlo para que no haya duda: **“Las pruebas virales que se utilizan para determinar si una persona tiene Covid-19 no están diseñadas para decir qué variante está causando la infección”.**

Y no se trata de una declaración aislada. El blog de la Asociación Americana del Pulmón (*American Lung Association*) explica en un artículo titulado *Todo lo que necesita saber sobre la variante Delta* (<https://www.lung.org/blog/covid-19-delta-variant>) lo siguiente: *“Las pruebas habituales de Covid-19 **no detectan qué variante está involucrada** en el caso de un paciente; esa información no cambia el enfoque de la atención o la terapia. La identificación de la variante requiere secuenciación genómica, un proceso separado de las pruebas regulares que no todos los laboratorios pueden hacer”.*

Dejando por ahora de lado que hemos demostrado en artículos anteriores la inutilidad de la PCR para detectar el SARS-CoV-2 lo que acabamos de decir descalifica absolutamente todo lo que nos cuentan sobre la incidencia de las variantes, su distribución, su mayor o menor peligrosidad... En suma, todos los datos que utilizan para insistir en el uso de mascarillas o para justificar nuevas dosis de vacunas porque todo ello se basa -como dice claramente lo antes citado- en una “probabilidad” ¿Y cómo se calcula esa probabilidad sin medios para distinguir entre variantes? La respuesta es que se calcula de forma estadística. Es decir, se secuencian un porcentaje de las PCR que dan «positivo» y se extrapola el resultado. ¿Y qué porcentaje de PCR positivas se secuencian? No lo sabemos con certeza y es probable que en cada país se sigan protocolos diferentes. En cualquier caso, no se trata de datos fehacientes por países o regiones sino de **suposiciones basadas en estadísticas con porcentajes que muchos expertos consideran insuficientes** y, por tanto, cuestionables.

Kelly Wroblewski, directora de la sección de enfermedades infecciosas de la *Asociación de Laboratorios de Salud Pública* de Estados Unidos, hizo unas declaraciones a *Business Insider* (<https://www.businessinsider.com/covid-patients-cant-know-which-variant-infected-them-delta-2021-8>) en las que asevera que más de cincuenta laboratorios estadounidenses pueden secuenciar muestras de coronavirus para detectar variantes pero añade que **no conoce ninguno que haya completado el proceso de validación necesario para obtener el permiso federal**: *“El proceso de validación es laborioso y requiere mucho tiempo y gran cantidad de información, datos y recursos. Y el problema con las variantes es que están cambiando constantemente de manera que tienes que realizar una validación completa cada vez que aparece una nueva variante”.*

Pues bien, a pesar de estas contundentes declaraciones los documentos del Ministerio de Sanidad español hablan de unas supuestas pruebas que sí podrían distinguir entre variantes. Así, en el documento *Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de preocupación (VOC) e interés (VOI) en salud pública en España* (https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/COVID19_Actualizacion_variantes_20210816.pdf) se dice: *“La información sobre la prevalencia de las distintas variantes se obtiene a partir de dos fuentes. Por un lado, se lleva a cabo la secuenciación del genoma que permite el análisis completo de todas las posibles mutaciones presentes y su asignación a un determinado linaje. Por otro, se realizan pruebas de cribado*

mediante **PCR capaces de detectar una o varias mutaciones específicas que permiten hacer una identificación presuntiva de las variantes que comparten esa mutación o conjunto de mutaciones**".

¿Y qué quieren decir exactamente con una "identificación presuntiva"? No lo sabemos pero no suena precisamente a procedimiento objetivo, directo y claro sino más bien, una vez más, a suposiciones.

LOS DATOS EN ESPAÑA

Según la actualización de 6 de agosto de 2021 del documento *Evaluación rápida de riesgo. Variantes de SARS-CoV-2 de preocupación e interés para la salud pública en España* (disponible en el siguiente enlace: <https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/20210806-EER.pdf>) "la variante dominante en estos momentos en España es la Delta, asociada a una mayor transmisibilidad y a una ligera disminución de la efectividad vacunal (...) El riesgo se considera bajo en población vacunada, alto en personas no vacunadas sin factores de riesgo y muy alto en personas no vacunadas vulnerables (...) Las medidas de prevención utilizadas hasta el momento son eficaces para todas las variantes". Por supuesto, la primera recomendación del informe es "Aumentar los porcentajes de cobertura vacunal. Es importante que el mayor número posible de personas reciba la pauta completa en el menor tiempo posible". Pues bien, el lector debe saber que FISABIO -una de las entidades que asesoran el mencionado informe- recibió en 2020 diecisiete mil euros de Pfizer (veremos cuánto recibe este año) y que a la cabeza de los asesores figura **Fernando Simón**, el hombre de los CDC en España.

Añadiremos que el 19 de enero del presente año la Comisión Europea publicó un comunicado instando a los países miembros a incrementar la tasa de secuenciación por considerar que la entonces aplicada no era suficiente para identificar la progresión de las variantes o detectar nuevas. Para ello pidió a los estados secuenciar al menos el 5% -y preferiblemente el 10%- de los resultados positivos de las pruebas, minimizar los retrasos en los resultados y garantizar que los datos se compartieran. Bueno, pues a pesar de ello según el *Sistema Español de Vigilancia Epidemiológica* de 6 de agosto de 2021 los porcentajes de las primeras semanas fueron de 0.31, 0.38, 0.45, 0.86, 1.13, 1.68 y 2.61. A partir de la semana 11ª se produce una pequeña subida y luego los porcentajes vuelven a caer rondando el 3%. Solo en las semanas 23 a 25 se supera ese 5% que pide la Comisión Europea... para volver a bajar en las últimas semanas de las que se disponen datos hasta el 0.59 y, finalmente, hasta el 0.21 (los datos pueden consultarse en: https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/COVID19_Actualizacion_variantes_20210816.pdf).

NO HAY PRUEBAS FIABLES PARA LAS «VARIANTES»

Parece pues evidente que la prueba exigible en el caso de las «variantes» sería solo la secuenciación genómica y que las sofisticadas PCR que se anuncian en los medios, capaces de distinguir entre variantes, no son sino meras pruebas de cribado para estudios epidemiológicos y no para emitir diagnósticos.

En un artículo publicado el 19 de agosto de este año en la web de FactCheck (<https://www.factcheck.org/es/2021/08/scicheck-usan-secuenciacion-para-identificar-delta-y-otras-variantes-del-coronavirus/>) **Angelo Fichera** califica de "falsas y engañosas" las afirmaciones de quienes dudan de la peligrosidad de la variante *Delta* y hasta de su misma existencia

descalificando gratuitamente a quienes se permiten preguntar simplemente cómo se diagnostica esa y otras variantes. Para lo cual cita al doctor **Bejamin Pinsky**, profesor adjunto de Patología y Medicina en la *Universidad de Stanford* (EEUU), quien sin embargo no parece darle la razón porque su declaración dice exactamente: *“Todas las pruebas de diagnóstico pueden detectar la variante Delta pero, simplemente, no la distinguen de diferentes linajes”*. Es decir, las pruebas diagnostican en conjunto a todos los SARS-CoV-2 con lo que se asume que detectan cualquier variante sin distinguirla. Por su parte, el doctor **Atul Butte**, profesor de Epidemiología en la *Universidad de California* -citado también- deja bien claro que *“los análisis de secuenciación no son exámenes clínicos. Estas secuencias se usan para seguimiento en salud pública y epidemiología”*.

Ante todo esto nos pusimos en contacto con la doctora **María José Martínez Albarracín**, especialista en análisis clínicos, quien nos diría: *«Respecto de los test PCR para identificar mutaciones de la proteína S (espiga) del SARS-CoV-2 es preciso conocer en primer lugar si están aprobados por la FDA -ya que por el momento todos los PCR para detección de este virus sólo están autorizados por la vía de emergencia- y, por tanto, conocer su garantía y fiabilidad”*. Y añade: *“En cualquier caso, para determinar si las mutaciones sufridas por la proteína espiga son constitutivas de una ‘variante de interés’ es necesario hacer una secuenciación. Sólo la secuenciación se considera una prueba válida o de confirmación. Y, por supuesto, es preciso hacerla en un número suficientes de casos positivos al SARS-CoV-2. Los test PCR únicamente pueden ser válidos como pruebas de screening que necesitan una secuenciación como prueba de confirmación”*.

En definitiva, los propios expertos que defienden el relato oficial de la falsa pandemia se contradicen y son incapaces de explicar qué son exactamente las «variantes»; y mucho menos cómo se detectan con garantías evidenciando que no existen pruebas objetivas adecuadas para detectarlas y analizar su distribución. Todo lo que afirman sobre ellas se basa en suposiciones, asunciones y proyecciones estadísticas lo que demuestra que las llamadas “variantes” son otra mentira que distribuyen por aquí y por allá en función de criterios que desconocemos pero que les supone una enorme utilidad a la hora de forzar medidas, imponer el uso de mascarillas o presionar para que los que se resisten acaben vacunándose.

NO PUEDEN EXISTIR “VARIANTES DE VIRUS”

Y la mentira se hace mucho más descarada y de un alcance mayor cuando se pone sobre la mesa toda la información que venimos compartiendo con nuestros lectores. En efecto, no se trata ya de que no se pueda distinguir técnicamente entre “variantes”. Ni siquiera se trata de que no puedan existir “variantes” de un virus que no se ha aislado. Lo realmente insólito es que nadie ha refutado los argumentos del doctor Stefan Lanka y eso supone que toda la Virología es un error -por no decir algo mucho más grave- y que el mismo término “variante” carece totalmente de sentido al no existir las entidades que la virología denomina “virus” y en realidad son artefactos virtuales contruidos con programas informáticos. De hecho, el famoso *Genbank* no es sino una base de datos, es decir, una biblioteca electrónica formada por archivos en los que las secuencias están representadas por miles de letras... Nada que ver con algo real, con entidades biológicas.

Si se pregunta en Internet sobre el aislamiento del nuevo coronavirus aparecen numerosas páginas del entramado mediático que ya hemos analizado en varios artículos dedicadas a difundir las “verdades” oficiales y convencer al gran público de que todas las afirmaciones de los críticos son bulos. La pregunta es: ¿lo hacen aportando argumentos y pruebas, documentación y referencias científicas? La respuesta es **NO**. Lo hacen dirigiéndose básicamente a un público no

formado y basándose en argumentos de autoridad: tal experto de tal universidad o centro médico asegura que el virus se ha aislado, existe y es culpable de millones de infectados y cientos de miles de muertes... O ponen enlaces a artículos científicos que en absoluto describen el aislamiento inicial que serviría como prueba de la existencia del SARS-CoV-2. En realidad esas páginas cuentan con dos ventajas de partida: una, que se dirigen a un público sin la formación adecuada para juzgar lo que ahí se les presenta; y dos, que la inmensa mayoría de ese público confía en las «autoridades» médicas y científicas -y si nos apuran incluso en las autoridades políticas y mediáticas- siempre que aseguren hablar ¡en nombre de la ciencia!

De las muchas evidencias y pruebas que hemos ido recopilando durante este año y medio -y que también han ido apareciendo en los blogs de periodistas de investigación tan prestigiosos como **Jon Rappoport** -candidato al *Premio Pulitzer*-, **Jim West** o **David Crowe** vamos a destacar tres que nos parecen las más significativas:

1) El doctor Stefan Lanka dejó claro en la extensa entrevista que nos concedió en marzo que **los llamados “virus” no existen como entidad biológica** y no son sino construcciones informáticas realizadas con sofisticados programas.

2) **Christine Massey** solicitó a numerosas instituciones y gobiernos las pruebas del aislamiento del SARS-CoV-2 y a 16 de septiembre de 2021 habían respondido 104 instituciones de 20 países. Y TODAS han respondido reconociendo que **no disponen de documentación alguna que les permita demostrar que el SARS-CoV-2 se ha aislado/purificado** (puede consultar su página web con todos los detalles de las respuestas en <https://www.fluoridefreepeel.ca/fois-reveal-that-health-science-institutions-around-the-world-have-no-record-of-sars-cov-2-isolation-purification/>). Y,

3) Los doctores **Andrew Kaufman** y **Thomas Cowan** y la periodista e investigadora sobre Nutrición **Sally Fallon Morell** publicaron a comienzos de este año una declaración conjunta que ya ha sido suscrita internacionalmente por cerca de nueve mil personas en la que explicaban el proceso correcto de aislamiento y secuenciación de un virus para concluir que *“Ninguno de esos pasos se ha intentado siquiera con el virus SARS-CoV-2, ni todos esos pasos se han realizado con éxito para ninguno de los denominados virus patógenos. Nuestra investigación indica que en la literatura médica no existe ningún estudio que muestre los pasos descritos”* (puede leer la declaración en varios idiomas en el siguiente enlace: <https://andrewkaufmanmd.com/sovi-espanol/>).

En definitiva, para afirmar que existen «variantes» de un virus hay que demostrar primero que ese virus existe porque se ha aislado y secuenciado. Y asimismo se deberá rebatir lo que asevera el doctor Stefan Lanka sobre la Virología en su conjunto y demostrar que los virus son realmente entidades biológicas patógenas.

Jesús García Blanca